



AATGCGTTTCNATCGGTAAATTGAAGATGTTAGAATAAAATAAAATTATT  
TTACGCAAAAGNTAGCCATTTAACCTCTACAATCTTATTTATTTAATAA  
N A ? S I G K L K M L E . I K L F  
M R ? ? S V N . R C . N K . N Y  
? C V F ? R . I E D V R I N K I I  
TATTTTTATAATTATAAAATATTTAATATATTTTAATCTTAAAGATC  
ATAAAAAAATATTAATATTTATAAAATTATATAAAAAATTAGAATTCTAG  
I F Y N Y K Y F N I F F N L K D  
L F F I I I N I L I Y F L I L K I  
Y F L . L . I F . Y I F . S . R S  
CTAAAAAAATCTNATTATAAGGATTTATATATGGATTGGATACTAANAA  
GATTTTTAGANTAAATATTCTAAAATATACCTAACCTATGATTNTT  
P K K S ? Y K D F I Y G L G Y . ?  
L K N L I I R I L Y M D W D T ? K  
. K I ? L . G F Y I W I G I L ?  
iBamHI  
AANTTNATTATNAAAATTAATATACTTTAATCTTAAGGATCCTAAAAAA  
TTNAANTAATANTTTAATTATATGAAAATTAGAATTCTCTAGGATTNTT  
? ? I ? K I N I L L I L R I L K K  
? ? L ? K L I Y F . S . G S . K  
K ? ? Y ? N . Y T F N L K D P K K  
ACATAATTATAAGGATTTCTATATGGATNGGGATACTAACAAANATNTAA  
TGTATTAATATTCTAAAAGATATACCTANCCCTATGATTGTTNTANATT  
H N Y K D F L Y G ? G Y . Q ? ?  
N I I I R I F Y M D ? D T N ? ?  
T . L . G F S I W ? G I L T ? ? N  
TTGTAAAAATTNAATATAAAATTGTTAAATCTAAAAATTAAAAACTAA  
AACATTTTAAANTTATATTAAACAATTAGATTAAATTATGATT  
I V K I ? I . N C . I . K L K Y .  
L . K F ? Y K I V K S K N . N T K  
C K N ? N I K L L N L K I K I L

FIG. 16I-1



Xba I

EcoR V                                    Bgl II

AAATATATANTAAATCATGATAATCGAGAATGTGGCGCTTAGATCTCGAGAT  
 TTTATATATNATTAGTACTATAGCTCTACACCGCGAATCTAGAGCTCTA  
 K Y I ? I M I S R M W R L D L E I  
 N I ? . S . Y R E C G A . I S R  
 K I Y ? N H D I E N V A L R S R D  
 CGAGGTTGAGACTANAGNGAAATTATGTTAACATGGAAATTTCCTT  
 GCTCCAACCTCTGATNTNCCTTTAACATACAATTAGTACCCCTTAAAAGAAA  
 E V E T ? ? E I M L I M G N F L  
 S R L R L ? ? K L C . S W E I F F  
 R G . D ? ? G N Y V N H G K F S F  
 TGTTTCCAAGACGATGACCGTGGAACCTAACATCCGCAATCGGTATGC  
 ACAAAAGGTTCTGCTACTGGCACCTTGGATTGTAGGCCAGTACG  
 L F P R R . P W K P N I R N R S C  
 C F Q D D D R G N L T S A I G H A  
 V S K T M T V E T . H P Q S V M  
 AATAACCATGTTATCATCANTGAACCTTGTCTCGTCATCTTACGGCCACA  
 TTATTGGTACAATAGTAGTNACTTGAACAGCAGCAGTAGAATGCCGGTGT  
 N N H V I I ? E L V V V I L R P Q  
 I T M L S S ? N L S S S S Y G H  
 Q . P C Y H ? . T C R R H L T A T  
 AATCACAGTCTTCTANCAAGGCACGAATATTAATGAGTCCAAGCTAGTAT  
 TTAGTGTCAAGAAGATNGTCCGTGCTTATAATTACTCAGGTTCGATCATA  
 I T V F ? Q G T N I N E S N V V  
 K S Q S S ? K A R I L M S P T . Y  
 N H S L L ? R H E Y . . V Q R S I  
 CTATATTGTTTACATTTATACCGTANTCGAGGTTGTCGCACGATTG  
 GATATAACAAAATGTAAAATATGGCATNAGCTCCACAAAGCGTGCTAAAAC  
 S I L F Y T F I P ? S R C S H D L  
 L Y C F T L L Y R ? R G V R T I W  
 Y I V L H F Y T V ? E V F A R F

FIG. 16I-2



GCCCCATCCCAAGTGCATAAGATCATTGATATGACCTCTACGTTGGAGCGT  
CGGGTAGGGTTCACGTATTCTAGTAACATACTGGAGATGCAAGCTCGCA  
A H P K C I R S L I . P L R W S V  
P I P S A . D H . Y D L Y V G A  
G P S Q V H K I I D M T S T L E R  
  
; Bgl II  
GTAAACCCGAGATCTAGTTGAGGGGGCATAGGTCTCATTNTCTACGTGG  
CAATTGGGCTCTAGATCAAECTCCCCGTATCCAGAGTAAANGGATGCACC  
L T R D L V E G A . V S F ? Y V  
C . P E I . L R G H R S H ? S T W  
V N P R S S . G G I G L I ? L R G  
AGGTTAAAGATCACCTTATTNCANCCCTTGTAGATTCTAAACTNGAGGT  
TCCAATTTCTAGTGGAAATAANGTNGGGAACATCTAAGATTGANCTCCA  
E V K D H L Y ? ? P C R F . T ? G  
R L K I T F I ? ? L V D S K L E V  
G . R S P L ? ? P L . I L N ? R  
NGATCTCTNTAGGAGATCGGTCTCCCTTGGAACTCTNTAGGGGTNCC  
NCTAGAGANATCCTCTAGCCAGAGGGAACCTTGAGANATCCCCANGG      739  
? S L . E I G L P W N S ? G V P  
D L ? R R S V S L G T L . G ?  
? I S ? G D R S P L E L ? R G ?

FIG. 16I-3